

PENGAMBILAN KEPUTUSAN DENGAN
MENGGUNAKAN METODE *MAXIMUM SCORE OF
THE TOTAL SUM OF JOINT PROBABILITIES*
(MSJP)

F. Agustini W.¹, A. D. W. Sumari², R. Sita Safitri³

¹Jurusan Matematika, FMIPA ITS Surabaya

²Department of Electronics Indonesian Air Force Academy Yogyakarta

¹farida.sahlan@yahoo.com, ²arwin.sumari@gmail.com, ³tasya.c9@yahoo.com

Abstrak

Pengambilan keputusan merupakan hal yang sangat penting bagi manusia untuk mengestimasi langkah apa yang harus diambil saat ini atau di masa yang akan datang. Metode yang banyak diaplikasikan dalam pengambilan keputusan adalah metode inferensi Bayesian dipadukan dengan teknik Maximum A Posteriori (MAP). Kombinasi metode teknik ini memiliki keterbatasan ketika dihadapkan pada permasalahan-permasalahan yang bersifat multi-hipotesa multi-indikasi, sehingga digunakan metode Maximum Score of the Total Sum of Joint Probabilities (MSJP) dalam pengambilan keputusan. Salah satu studi kasus yang mendukung dalam pengaplikasian metode MSJP yaitu mengenai ekspresi interaksi gen-gen dari waktu ke waktu. Dalam penelitian ini menggunakan data yeast cell cycle sebagai studi kasus mengenai fenomena ekspresi gen. Data gen yeast yang diteliti adalah yeast tipe elu dengan 25 gen dan 36 gen dalam 18 deretan waktu.

Katakunci: *Pengambilan keputusan, Bayesian, MSJP, yeast cell cycle*

1. Pendahuluan

Manusia adalah makhluk yang kompleks dan penuh pertimbangan dalam menentukan satu pilihan ketika dihadapkan pada fakta-fakta atau indikasi-indikasi yang ditemui di sekitar lingkungannya. Oleh karena itu, manusia melakukan inferensi (penarikan kesimpulan) dari informasi yang diperoleh panca inderanya sebagai dasar pengambilan keputusan terhadap peristiwa yang sedang diamati. Metode yang telah banyak diaplikasikan dalam pengambilan keputusan adalah metode inferensi Bayes dipadukan dengan teknik Maximum A Posteriori (MAP). Kombinasi metode teknik ini memiliki keterbatasan ketika dihadapkan pada permasalahan-permasalahan yang bersifat multi-hipotesa multi-indikasi yang sering dihadapi manusia dalam kehidupan nyata. Untuk meminimalkan keterbatasan tersebut, pada penelitian ini digunakan metode Maximum Score of the Total Sum of Joint Probabilities (MSJP) dalam pengambilan keputusan. Metode MSJP merupakan pengembangan dari metode Bayes yang dikembangkan oleh [7].

Salah satu studi kasus yang mendukung dalam pengaplikasian metode MSJP yaitu mengenai ekspresi interaksi gen-gen dari waktu ke waktu. Pada penelitian ini menggunakan data yeast cell cycle sebagai studi kasus mengenai fenomena ekspresi gen. Dari penelitian Zubir (2008), terdapat database yeast dengan 25 gen (yeast25 sequence) dan 36 gen (yeast36 sequence).

Masing-masing terdiri dari beberapa tipe seperti : alpha, cdc15, cdc28, cho, elu dan tf [1]. Data gen yeast yang diteliti adalah yeast25 dan yeast36 tipe elu. Dengan menggunakan metode MSJP, akan diprediksi ekspresi gen di waktu mendatang dan akan dicari gen yang menghasilkan ekspresi tertinggi sehingga mempermudah peneliti dalam memeriksa interaksi gen selanjutnya untuk mendapatkan ekspresi gen yang lebih baik.

2. Metode Inferensi Bayesian

Anggap terdapat dua peristiwa A dan B . Probabilitas A sama dengan

$$P(A) = P(A \cap B) + P(A \cap \bar{B})$$

Himpunan B dan \bar{B} merupakan himpunan peristiwa-peristiwa yang bersifat saling terpisah (mutually exclusive). Hukum probabilitas total

dapat diperluas di mana ruang sampel S disekat dalam partisi-partisi $B_1, B_2, B_3, \dots, B_m$ sehingga probabilitas total diperoleh sebagai berikut :

$$P(A) = \sum_{j=1}^m P(A \cap B_j)$$

Atau menjadi persamaan (1).

$$\begin{aligned} P(A) &= P(A|B_1)P(B_1) + P(A|B_2)P(B_2) + \dots + P(A|B_m)P(B_m) \\ &= \sum_{j=1}^m P(A|B_j)P(B_j) \end{aligned} \quad (1)$$

Proses inferensi bayes adalah sebagai berikut, jika mempunyai beberapa hipotesa A_1, A_2, \dots, A_n yang *mutually exclusive* dan *exhaustive*, kemudian ada beberapa fakta B_1, B_2, \dots, B_m , maka probabilitas bersyarat a posteriori untuk tiap objek A_i ditunjukkan oleh persamaan (1) [6].

$$\begin{aligned} P(A_i|B_1, B_2, \dots, B_m) &= P(A_i|B_j) = \frac{P(B_j|A_i) P(A_i)}{P(B_j)} \\ &= \frac{P(B_j|A_i) P(A_i)}{\sum_{i=1}^n P(B_j|A_i) P(A_i)} \\ &= \frac{P(B_j|A_i) P(A_i)}{P(B_j|A_1) P(A_1) + \dots + P(B_j|A_n) P(A_n)} \end{aligned} \quad (2)$$

dengan $i = 1, 2, \dots, n$ merupakan jumlah dari hipotesa-hipotesa A dan $j = 1, 2, \dots, m$ adalah jumlah dari indikasi-indikasi B .

Tabel 2.1 Ilustrasi Metode Inferensi Bayes dengan teknik MAP

A_i	Hipotesa A_i			
B_j		1	...	N
Indikasi	1	$P(A_1 B_1)$...	$P(A_n B_1)$
B_j	2	$P(A_1 B_2)$...	$P(A_n B_2)$

	j	$P(A_1 B_j)$...	$P(A_n B_j)$

	m	$P(A_1 B_m)$...	$P(A_n B_m)$
MAP $\max_{i=1, \dots, n; j=1, \dots, m} (P(A_i B_j))$				

Metode Inferensi *Maximum Score of the Total Sum of Joint Probabilities* (MSJP) Metode inferensi *Maximum Score of the Total Sum of Joint Probabilities* (MSJP) merupakan perbaikan dari metode inferensi bayesian dengan teknik MAP. Metode MSJP ditunjukkan pada persamaan (3).

$$P(A_i|B_1 \& \dots \& B_m)_{estimated} = \max_{i \in I} \left\{ \frac{\sum_{j=1}^m P(A_i|B_j)}{m} \right\} \quad (3)$$

dengan $i = 1, 2, \dots, n$ adalah jumlah hipotesa yang diletakkan secara kolom dan $j = 1, 2, \dots, m$ adalah jumlah indikasi yang diletakkan secara baris. *Total sum of joint probabilities* ditunjukkan oleh operasi matematika $\sum_{j=1}^m P(A_i|B_j)$. Faktor pembobotan m adalah jumlah multi indikasi apriori B yang mempengaruhi nilai-nilai probabilitas multi hipotesa A [7].

Tabel 2.2 Ilustrasi Metode MSJP

A_i	Hipotesa A_i			
B_j		1	...	n
Indikasi B_j	1	$P(A_1 B_1)$...	$P(A_n B_1)$
	2	$P(A_1 B_2)$...	$P(A_n B_2)$

	j	$P(A_1 B_j)$...	$P(A_n B_j)$

	m	$P(A_1 B_m)$...	$P(A_n B_m)$
		$\frac{\sum_{j=1}^m P(A_i B_j)}{m}$...	$\frac{\sum_{j=1}^m P(A_i B_j)}{m}$
MSJP $\max_{i \in I} \left\{ \frac{\sum_{j=1}^m P(A_i B_j)}{m} \right\}, I = \{1, 2, \dots, n\}$				

3. Pembahasan

3.1. Prediksi Interaksi Gen dalam Deretan Waktu

Prediksi Interaksi Gen *Yeast25* Pada data mengenai nilai interaksi gen-gen *yeast25* tipe elu dalam 18 deretan waktu, baris G_i dengan $i = 1, 2, \dots, 25$ menunjukkan nama gen-gen *yeast* yang berjumlah 25 gen, sedangkan kolom T_j dengan $j = 1, 2, \dots, 18$ menunjukkan waktu ke- j . Untuk memprediksi ekspresi interaksi gen tersebut, data ditransformasi terlebih

dahulu dalam bentuk biner dengan menggunakan *threshold* berdasarkan nilai rata-rata. Terdapat 2 cara yang dilakukan dalam penentuan nilai *threshold*, yaitu *threshold* berdasarkan nilai rata-rata populasi dan *threshold* berdasarkan nilai rata-rata sampel pada tiap baris.

Pada *threshold* diperoleh nilai rata-rata populasinya adalah:

$$\mu = \frac{\sum_{ij} x_{ij}}{N} = \frac{2,09}{450} = 0,00464$$

dengan x_{ij} data nilai interaksi gen-gen yeast dengan $i = 1, 2, \dots, 25$ dan $j = 1, 2, \dots, 18$. Berdasarkan nilai rata-rata yang diperoleh, data akan ditransformasi dalam bentuk biner dengan syarat sebagai berikut:

$$x_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{jika } x_{ij} \geq \mu \\ 0 & \text{jika } x_{ij} < \mu \end{cases} \quad (4)$$

Data bernilai 1 jika berada di atas nilai rata-rata yang berarti data tersebut memiliki nilai interaksi gen yang kuat. Data bernilai 0 jika berada di bawah rata-rata atau memiliki nilai interaksi gen yang lemah.

Setelah mentransformasi data dalam bentuk biner, ditentukan nilai pembobotan yang diperoleh dari penjumlahan tiap baris, sehingga dapat dikatakan bahwa peluang interaksi gen kuat pada waktu ke- T_j dengan syarat gen G_i berada pada kelas 1 dinormalisasi dengan nilai bobot pada masing-masing gen. Misalnya pada waktu T_1 untuk gen FKH1 G_3 memiliki nilai peluang bersyarat $P(T_1|G_3)$ sebesar 1/10 atau 0,1. Nilai 10 merupakan faktor pembobotan pada gen FKH1. Demikian seterusnya untuk mendapatkan peluang bersyarat pada setiap data.

Setelah mendapatkan semua nilai peluang bersyaratnya, ekspresi interaksi gen dari waktu ke waktu dapat diprediksi dengan menggunakan metode MSJP. Contoh perhitungan MSJP berdasarkan persamaan (3) adalah sebagai berikut:

Kolom 1:

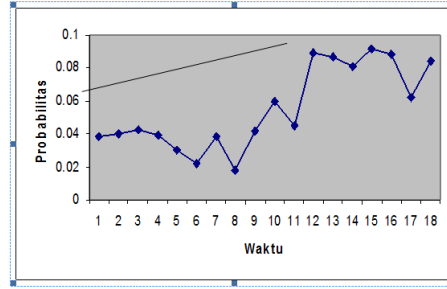
$$\frac{\sum_{j=1} \sum_{i=1}^{25} P(T_1|G_i)}{N_i} = \frac{0,954}{25} = 0,038$$

\vdots

Kolom 18:

$$\frac{\sum_{j=18} \sum_{i=1}^{25} P(T_{18}|G_i)}{N_i} = \frac{2,11}{25} = 0,084$$

Dari perhitungan tersebut diperoleh prediksi ekspresi gen *yeast25* tipe elu untuk interaksi gen selanjutnya memiliki kecenderungan semakin meningkat pada waktu mendatang. Untuk lebih jelasnya, hasil prediksi dapat dilihat pada Gambar 1 berikut ini. Cara kedua adalah mencari *threshold* ber-



Gambar 1: Interaksi Gen *Yeast25*-elu dalam 18 Deretan Waktu ke-1

dasarkan nilai rata-rata pada setiap baris. Hal ini digunakan untuk mengetahui hasil yang signifikan dari perhitungan menggunakan metode MSJP, sehingga perlu dilakukan perbandingan antara hasil eksperimen pertama yang menggunakan nilai rata-rata pada seluruh data dengan eksperimen kedua yang dilihat dari rata-rata tiap gen individu dalam 18 deretan waktu.

Threshold untuk nilai rata-rata sampel pada tiap baris diperoleh

$$\begin{aligned}\bar{x}_1 &= \frac{\sum_{j=1}^{18} x_{1,j}}{N_j} = 0,073 \\ &\vdots \\ \bar{x}_{25} &= \frac{\sum_{j=1}^{18} x_{25,j}}{N_j} = 0,022\end{aligned}$$

Seperti pada eksperimen pertama, transformasi data dalam bentuk biner dilakukan dengan ketentuan sebagai berikut:

$$\bar{x}_i = \begin{cases} 1 & , \text{ jika } x_{ij} \geq \bar{x}_i \\ 0 & , \text{ jika } x_{ij} < \bar{x}_i \end{cases} \quad (5)$$

dengan $i = 1,2,\dots,25$, $j = 1,2,\dots,18$ dan \bar{x}_i merupakan nilai rata-rata pada gen ke- i dalam 18 deretan waktu.

Dengan cara yang sama, peluang bersyarat $P(T_j|G_i = 1)$ diperoleh dari normalisasi nilai bobotnya. Misalnya pada gen ASH1 (G_2 memiliki nilai bobot 7, maka peluang bersyarat nilai interaksi kuat pada T_3 , $P(T_3|G_2)$ adalah $1/7$ atau 0,143. Setelah itu digunakan metode MSJP untuk memprediksi ekspresi interaksi gen dengan perhitungan sebagai berikut:

Kolom 1:

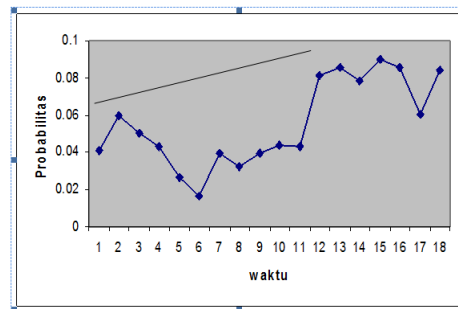
$$\frac{\sum_{j=1} \sum_{i=1}^{25} P(T_1|G_i)}{N_i} = \frac{1,02}{25} = 0,041$$

⋮

Kolom 18:

$$\frac{\sum_{j=18} \sum_{i=1}^{25} P(T_{18}|G_i)}{N_i} = \frac{2,105}{25} = 0,084$$

Dari perhitungan tersebut diperoleh prediksi ekspresi gen *yeast25* tipe elu untuk interaksi gen selanjutnya memiliki kecenderungan semakin meningkat pada waktu mendatang. Untuk lebih jelasnya, hasil prediksi dapat dilihat pada Gambar 2.



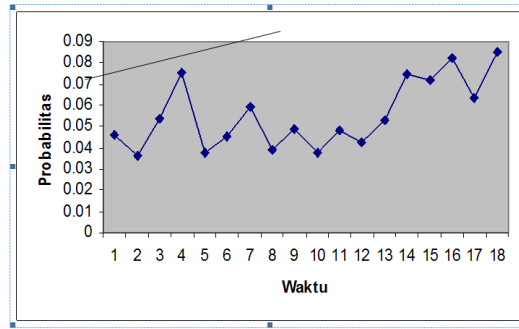
Gambar 2: Interaksi Gen *Yeast25*-elu dalam 18 Deretan Waktu ke-2

Prediksi Interaksi Gen *Yeast36*. Pada data mengenai nilai interaksi gen-gen *yeast36* dengan tipe elu dalam 18 deretan waktu, baris G_i dengan $i = 1, 2, \dots, 36$ menunjukkan nama gen-gen *yeast* yang berjumlah 36 gen, sedangkan kolom T_j dengan $j = 1, 2, \dots, 18$ menunjukkan waktu ke- j . Sama

seperti pembahasan sebelumnya bahwa untuk memprediksi ekspresi interaksi gen semakin meningkat atau menurun pada waktu mendatang yaitu dengan mentransformasi data dalam bentuk biner. Pada *threshold* yang pertama diperoleh nilai rata-rata untuk populasi data gen *yeast36* adalah:

$$\mu = \frac{\sum_{ij} x_{ij}}{N} = \frac{15,09}{648} = 0,0233$$

Dengan cara yang sama, probabilitas bersyarat $P(T_j|G_i)$ diperoleh berdasarkan pembobotan pada tiap baris. Selanjutnya memprediksi ekspresi interaksi gen dari waktu ke waktu menggunakan metode MSJP. Berdasarkan hasil perhitungan, diperoleh prediksi ekspresi gen *yeast36* tipe elu untuk interaksi gen selanjutnya memiliki kecenderungan semakin meningkat. Lebih jelasnya, hasil prediksi dapat dilihat pada Gambar 3.

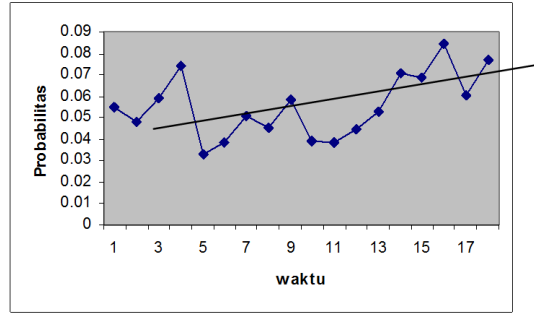


Gambar 3: Interaksi Gen *Yeast36*-elu dalam 18 Deretan Waktu ke-1

Sedangkan hasil prediksi ekspresi gen *yeast36* tipe elu untuk *threshold* berdasarkan nilai rata-rata sampel juga memiliki kecenderungan semakin meningkat pada waktu mendatang. Untuk lebih jelasnya, hasil prediksi dapat dilihat pada Gambar 4.

3.2. Prediksi Interaksi Gen Individu dalam Deretan Waktu

Prediksi Interaksi Gen Individu pada *Yeast25* Pada kasus ini, probabilitas setiap gen individu memiliki interaksi gen yang kuat merupakan probabilitas prior yang harus diketahui. Distribusi prior yang digunakan adalah distribusi prior informatif, karena dipilih berdasarkan informasi dari data. Nilai interaksi untuk setiap gen individu dalam 18 deretan waktu



Gambar 4: Interaksi Gen *Yeast36*-elu dalam 18 Deretan Waktu ke-2

diasumsikan berdistribusi normal. Masing-masing gen individu memiliki nilai probabilitas prior yang berbeda. Namun pada tiap gen mempunyai peluang yang sama untuk memiliki nilai interaksi gen yang kuat dari waktu ke waktu, sehingga *principle of indifference* diberlakukan.

Langkah-langkah untuk mendapatkan probabilitas prior pada masing-masing gen *yeast25* individu dijelaskan sebagai berikut:

1. Nilai rata-rata sebelumnya untuk populasi *yeast25* yaitu $\mu = 0,00464$ dijadikan sebagai dasar untuk mencari probabilitas prior setiap gen, $P(X \geq 0,00464)$.
2. Menghitung probabilitas prior $P(Z \geq z_i)$ yang sepadan dengan $P(X \geq 0,00464)$, dengan x merupakan nilai rata-rata populasi, \bar{x}_i merupakan nilai rata-rata sampel pada gen ke- i dalam 18 deretan waktu dan standar deviasi s_i .

Misalnya, pada gen ACE2 (G_1) dalam 18 deretan waktu mengikuti sebaran normal dengan mean 0,07333 dan standar deviasi 0,7406. Probabilitas prior gen ACE2 yang memiliki interaksi gen kuat terletak pada daerah $P(X \geq 0,00464)$. Nilai z_i padanan $x = 0,00464$ adalah

$$z_1 = \frac{x - \mu_1}{\sigma_1} = \frac{0,00464 - 0,07333}{0,7406} = -0,0927$$

Dengan demikian, probabilitas prior pada gen ACE2 adalah

$$\begin{aligned} P(X \geq 0,00464) &= P(Z \geq -0,0927) \\ &= 1 - P(Z < -0,0927) \\ &= 1 - 0,4641 \\ &= 0,5359 \end{aligned}$$

Perhitungan yang sama juga diaplikasikan pada tiap gen untuk mendapatkan probabilitas prior.

Probabilitas posterior dapat ditentukan setelah mendapatkan probabilitas prior pada setiap gen. Probabilitas posterior yang dimaksud adalah peluang G_i yang memiliki interaksi gen yang kuat pada waktu T_j , dinyatakan dengan $P(G_i|T_j)$. Probabilitas posterior pada kasus ini adalah

$$\begin{aligned} P(G_i|T_j) &= \frac{P(T_j|G_i) P(G_i)}{P(T_j)} \\ &= \frac{P(T_j|G_i) P(G_i)}{\sum_{i=1}^{25} P(T_j|G_i) P(G_i)} \end{aligned} \quad (6)$$

dengan $P(T_j|G_i)$ merupakan probabilitas ekspresi gen kuat pada waktu T_j dengan syarat gen G_i berada pada kelas 1 atau memiliki nilai interaksi gen yang kuat, sedangkan $P(G_i)$ merupakan probabilitas prior untuk setiap gen G_i .

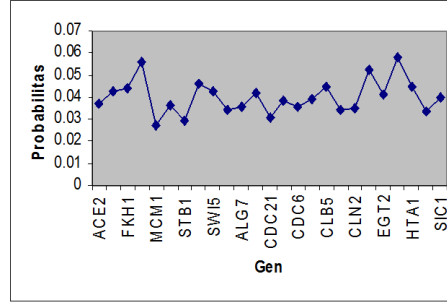
Misalnya, pada gen FKH1 G_3 memiliki probabilitas prior $P(G_3)$ 0,5398. Probabilitas posterior G_3 memiliki interaksi gen yang kuat pada waktu T_2 adalah

$$\begin{aligned} P(G_3|T_2) &= \frac{P(T_2|G_3) P(G_3)}{P(T_2)} \\ &= \frac{P(T_2|G_3) P(G_3)}{\sum_{i=1}^{25} P(T_2|G_i) P(G_i)} = 0,101 \end{aligned}$$

Setelah mendapatkan probabilitas posterior, dapat diprediksi gen yang memiliki ekspresi tertinggi dengan menggunakan metode MSJP. Berikut ini perhitungan MSJP untuk masing-masing gen dengan menggunakan persamaan

$$\begin{aligned} P(G_1|T_1, T_2, \dots, T_{18}) &= \frac{\sum_{j=1}^{18} P(G_1|T_j)}{j} = \frac{0,666}{18} = 0,037 \\ &\vdots \\ P(G_{25}|T_1, T_2, \dots, T_{18}) &= \frac{\sum_{j=1}^{18} P(G_{25}|T_j)}{j} = \frac{0,72}{18} = 0,04 \end{aligned}$$

Pada perhitungan tersebut diperoleh gen yang memiliki peluang tertinggi menghasilkan ekspresi terbesar untuk interaksi gen *yeast25* tipe elu dalam 18 deretan waktu adalah gen FAR1 dengan peluang 0,058. Probabilitas tiap gen individu dapat dilihat pada Gambar 5.



Gambar 5: Probabilitas Gen Individu pada *Yeast25*- elu dalam 18 deretan waktu

Prediksi Interaksi Gen Individu pada *Yeast36* Seperti pembahasan sebelumnya, prediksi interaksi gen individu pada gen *yeast36* juga dianalisis menggunakan metode Bayesian. Oleh karena itu, probabilitas prior pada tiap gen individu $P(G_i)$ dibutuhkan untuk mendapatkan probabilitas posterior $P(G_i|T_j)$.

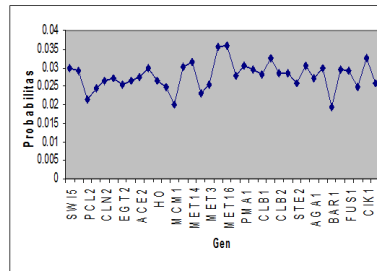
Berikut ini perhitungan *yeast36* tipe elu dalam 18 deretan waktu dapat diperoleh dengan menggunakan metode MSJP pada setiap gen, yaitu:

$$P(G_1|T_1, T_2, \dots, T_{18}) = \frac{\sum_{j=1}^{18} P(G_1|T_j)}{j} = \frac{0,534}{18} = 0,03$$

$$\vdots$$

$$P(G_{36}|T_1, T_2, \dots, T_{18}) = \frac{\sum_{j=1}^{18} P(G_{36}|T_j)}{j} = \frac{0,461}{18} = 0,026$$

Pada perhitungan tersebut diperoleh gen yang memiliki peluang tertinggi menghasilkan ekspresi terbesar pada interaksi gen *yeast36* tipe elu adalah gen MET16 dengan peluang 0,036. Probabilitas tiap gen individu dapat dilihat pada Gambar 6. Dari hasil penelitian mengenai ekspresi interaksi



Gambar 6: Probabilitas Gen Individu pada *Yeast36-elu* dalam 18 deretan waktu

gen *yeast*, dapat diketahui bahwa gen FAR1 merupakan gen yang paling berkontribusi pada interaksi gen *yeast25* tipe elu dan gen MET16 merupakan gen yang paling berkontribusi pada interaksi gen *yeast36* tipe elu. Gen-gen yang telah diperoleh dapat mempermudah peneliti untuk memeriksa ekspresi gen tersebut, sebab pemeriksaan interaksi gen menjadi lebih fokus. Jika ekspresi gen-gen tersebut menghasilkan mutasi yang positif untuk *offspring* (keturunan), maka fungsi dari gen-gen tersebut dapat dipertahankan. Namun, jika menghasilkan mutasi negatif untuk *offspring*, maka dapat dilakukan mutasi balik untuk mengurangi ekspresi gen-gen tersebut sehingga menciptakan *offspring* yang lebih baik di masa yang akan datang.

4. Kesimpulan dan Saran

Dari hasil pembahasan mengenai prediksi ekspresi interaksi gen dengan menggunakan metode *Maximum Score of the Total Sum of Joint Probabilities* (MSJP) dapat disimpulkan sebagai berikut:

1. Hasil dari prediksi interaksi gen *yeast25* dan *yeast36* tipe elu dalam 18 deretan waktu dengan menggunakan pendekatan 2 *threshold* yang berbeda, konsep probabilitas dan metode MSJP menyatakan bahwa ekspresi interaksi gen tersebut memiliki kecenderungan semakin meningkat di waktu mendatang.

2. Dengan menggunakan analisis Bayesian dan metode MSJP dalam pengambilan keputusan diperoleh gen yang paling berkontribusi memiliki ekspresi tertinggi pada interaksi gen *yeast25* tipe elu dalam 18 deretan waktu adalah FAR1 dengan nilai probabilitas sebesar 0,058. Sedangkan gen yang paling berkontribusi memiliki ekspresi tertinggi pada interaksi gen *yeast36* tipe elu dalam 18 deretan waktu adalah MET16 dengan nilai probabilitas sebesar 0,036.

Adapun saran dari peneliti adalah perlu adanya pemilihan prior lebih dari satu dengan metode berbeda yang dianggap representatif pada analisis data menggunakan metode Bayesian. Hasil analisis Bayesian dengan prior yang berbeda dijadikan sebagai perbandingan sehingga penggunaan metode MSJP benar-benar menghasilkan suatu keputusan yang tepat.

Pustaka

- [1] Ahmad, A. S., Sumari, A.D.W, dan Zubir, H. Y. *Collaborative Computation in Bioinformatics for Better Life*, Prosiding Seminar Nasional Teknologi Informasi dan Aplikasinya (SENTIA, Politeknik Negeri Malang, Malang, 2009.
- [2] Dudewicz, E. J. dan Mishra, S. N, *Statistika Matematika Modern*, Diterjemahkan oleh RK Sembiring, Bandung, ITB, 1995.
- [3] Gelman, Andrew, *Bayesian Data Analysis, 1st ed*, Chapman & Hall, Britain, 1995.
- [4] Sarwoko, *Statistik Inferensi untuk Ekonomi dan Bisnis*, Andi, Yogyakarta, 2007.
- [5] Siegel, A. F. dan Morgan, C.J., *Statistics and Data Analysis An Introduction, 2nd edition*, John Wiley & Son, Inc., 1996.
- [6] Sumari, A.D.W. dan Ahmad, A.S., *Design and Implementation of Multi Agentbased Information Fusion System for Decision Making Support (A Case Study on Military Operation)*, ITB J. ICT. Vol. 2, No. 1, 42-63, 2008.

- [7] Sumari, A.D.W., dkk, *Pengembangan Teori Probabilitas untuk Fusi Penginferensian Informasi*, Prosiding Seminar Nasional Matematika IV. ITS, Surabaya, 2008.
- [8] Walpole, R.E. , *Pengantar Statistika, Edisi ke-3* , Gramedia Pustaka Utama, Jakarta, 1992.